

Estimación de la susceptibilidad genética a *Lentivirus* en ganado ovino: comparación de modelos y desafíos asociados a efectos de ambiente y exposición

Rocío Pelayo¹, Almudena Fernández², María Alonso-García¹, María Carmen González², Aroa Suárez-Vega¹, Beatriz Gutiérrez-Gil¹, Malena Serrano², Juan José Arranz¹

¹ Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de León, 24006, León (España).

² Departamento de Mejora Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), Ctra. de La Coruña km 7,5, 28040 Madrid, Spain

* Corresponding author: jjarrs@unileon.es

Resumen

Las infecciones por *Lentivirus* en pequeños rumiantes constituyen un problema sanitario y productivo, destacando el Maedi-Visna (MV) en ganado ovino, enfermedad crónica con alta prevalencia en Europa. La variabilidad individual observada bajo condiciones de exposición similares sugiere la existencia de una base genética de la susceptibilidad, lo que convierte la mejora genética en una herramienta complementaria a otras medidas de control. El objetivo de este estudio ha sido estimar los componentes de varianza y la heredabilidad de la susceptibilidad a MV, así como comparar distintos enfoques de evaluación genética y evaluar el impacto de incorporar información genómica. Se analizaron 1.569 ovejas de raza Assaf, con fenotipo binario (916 positivas y 653 negativas). La matriz de parentesco incluyó 7.621 animales, de los cuales 2.207 estaban genotipados con un chip de 50K. Tras el control de calidad en PLINK, eliminando marcadores con una frecuencia del alelo menor (MAF) < 0.05, tasa de genotipado faltante (*geno*) > 0.10 y evidencia de no estar en equilibrio de Hardy-Weinberg ($p < 1e-7$), se retuvieron 34.827 polimorfismos de nucleótido sencillo (SNPs) para los análisis genómicos posteriores. Los parámetros genéticos se estimaron mediante un modelo animal umbral incluyendo como efectos fijos la ganadería y el número de nacidos vivos (3 y 5 clases, respectivamente), y la edad (en meses) como covariable, fijando la varianza residual en 1 en la escala latente. Las estimaciones se obtuvieron mediante un muestreador de Gibbs implementado en *THRGIBBS1F90* del paquete BLUPF90. Se evaluaron tres enfoques de evaluación genética: el modelo animal basado en pedigrí (BLUP), el modelo genómico (GBLUP) y el modelo que integra la información de pedigrí y genómica (ssGBLUP). La heredabilidad estimada en la escala latente (*liability*) se transformó a la escala observada según la aproximación de Dempster y Lerner. Las heredabilidades en escala observada fueron de 0,41 (BLUP), 0,32 (GBLUP) y 0,31 (ssGBLUP). Estas estimaciones deben interpretarse con cautela, ya que pueden verse influidas por efectos de ambiente común no modelizados, por la heterogeneidad en la exposición al patógeno y por la correlación entre la genética y el entorno a nivel de granja. Estas fuentes de confusión pueden inflar la varianza genética estimada. Los trabajos en curso abordan la inclusión explícita de efectos del ambiente compartido, la modelización del riesgo de exposición y enfoques longitudinales, con el objetivo de obtener estimaciones más robustas. En conjunto, los resultados evidencian la existencia de una base genética relevante para la susceptibilidad a *Lentivirus* en el ganado ovino y respaldan el potencial de los enfoques genómicos para su inclusión en programas de selección orientados al control de la enfermedad, si bien es necesario refinar los modelos para evitar sesgos en la estimación.

Keywords: Ganado ovino, *Lentivirus*, heredabilidad, modelos umbral, selección genómica.

Agradecimientos: Este estudio ha sido financiado por el Proyecto Nacional Español PID2022-136444OB-C32. Queremos dar las gracias a la Asociación Española de Criadores de Raza Assaf (ASSAFE).

